

Controle ótimo aplicado à um problema não-linear que descreve a dinâmica do *Aedes*

Luiz Gustavo Lyra¹

UNESP, Botucatu, SP

Matheus Moreira Costa²

UNESP, Botucatu, SP

Fernando Luiz Pio dos Santos³

UNESP, Botucatu, SP

Infecções causadas por vetores são reportadas anualmente pela Organização Mundial de Saúde (OMS) e atualmente são problemas de saúde pública, [8]. Muitas pessoas vivem em áreas endêmicas convivendo diariamente com riscos de adquirirem doenças que são transmitidas por mosquitos do gênero *Aedes*, [1, 5, 8]. Este, por sua vez, é o principal transmissor da dengue, febre amarela, zika vírus e chikungunya, [8]. Tais doenças afetam o Brasil e outros países da América latina, uma vez que estes países possuem clima que favorece a proliferação e adaptação do mosquito transmissor, [7, 8]. Para prevenir ou reduzir a transmissão das infecções propagadas por vetores faz-se necessário o controle do mosquito ou a interrupção do contato humano, [1, 5, 8].

Este trabalho investiga a dinâmica de transmissão de infecções entre humanos causadas por vetores da espécie *Aedes aegypti* via um modelo matemático não-linear descrito por um sistema de equações diferenciais ordinárias. A população de humanos está dividida em três compartimentos do tipo SIR, sendo suscetíveis, $H_S(t)$, infectados, $H_I(t)$ e recuperados, $H_R(t)$, ao longo do tempo t . A população de vetores foi dividida em dois estágios: aquático e alado. Denomina-se $A(t)$ o compartimento para a fase aquática ao longo do tempo t . Para a fase alada tem-se os compartimentos no tempo t : $M_S(t)$ para mosquitos suscetíveis e $M_I(t)$ para os infectados.

O problema do controle ótimo aplicado na fase aquática foi proposto neste trabalho, com o intuito de reduzir a população de mosquitos na fase alada e, consequentemente, reduzir a população de humanos infectados. Para avaliar a efetividade do controle foi formulado um índice de desempenho quadrático, [4]. Desta forma, o problema de otimização foi resolvido via algoritmo genético com elitismo e usando o método da roleta para seleção dos indivíduos, [4, 6]. A análise local do modelo foi ainda proposta neste trabalho, obtendo-se três pontos de equilíbrio: o livre de mosquitos, o livre da doença e o endêmico. O número reprodutivo básico \mathcal{R}_0 foi obtido via matriz de próxima geração, conforme [2, 3, 9].

Com o intuito de ilustrar a análise matemática e o efeito do controle ótimo na dinâmica do modelo, simulações numéricas computacionais foram realizadas, considerando os cenários $\mathcal{R}_0 < 1$ (não prevalência da doença) e $\mathcal{R}_0 > 1$ (situação de endemia). Os resultados numéricos corroboram com a análise efetuada. Além disso, foi possível notar que houve a efetiva diminuição da população de humanos infectados, devido a ação do controle ótimo aplicado na situação endêmica.

¹luiz.lyra@unesp.br

²matheusmcosta83@gmail.com

³fernando.pio@unesp.br

Agradecimentos

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001. Santos, F. L. P. obteve auxílio financeiro, processo no. 2018/03116-3, Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP).

Referências

- [1] Bhatt, S., Gething, P., Brady, O., Messina, J. et al. The global distribution and burden of dengue, *Nature*, 2013. DOI: 10.1038/nature12060.
- [2] Diekmann, O., Heesterbeek, J. A. P. and Metz, J. A. J. On the definition and the computation of the basic reproduction ratio \mathcal{R}_0 in models for infectious diseases in heterogeneous populations, *J. Math. Biol.*, 1990. DOI: 10.1007/bf00178324.
- [3] Driessche, P. V. D. and Watmough, J. Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission, *Math. Biosci.*, 2002. DOI: 10.1016/S0025-5564(02)00108-6.
- [4] Florentino, H. O., Cantane, D. R., Santos, F. L. P., Reis, C. A. et al. Genetic Algorithm for optimization of the aedes aegypti control strategies, *Pesq. Oper.*, 2018. DOI: 10.1590/0101-7438.2018.038.03.0389.
- [5] Jing, Q. and Wang, M. Dengue epidemiology, *GHJ*, 2019. DOI: 10.1016/j.glohj.2019.06.002.
- [6] Lyra, L. G. Algoritmo genético aplicado ao controle do mosquito transmissor da dengue, Dissertação de Mestrado, Unesp, 2014.
- [7] Wilder-Smith, A., Ooi, E. E., Horstick, O. and Wills, B. Dengue, *Lancet Infect. Dis.*, 2019. DOI: 10.1016/S0140-6736(18)32560-1.
- [8] WHO. Dengue: Guidelines for Diagnosis, Treatment, Prevention and Control, *World Health Organization*, Geneva, 2009.
- [9] Yang, H. M. The basic reproduction number obtained from Jacobian and next generation matrices - A case study of dengue transmission modelling, *Biosystems*, 2014. DOI: 10.1016/j.biosystems.2014.10.002.